



## PRESS RELEASE

令和 8 年 2 月 19 日

**相関だけでは見えない関係を可視化：  
多様なデータに使える新解析手法「SGCRNA」**

## ◆発表のポイント

- ・従来の共発現ネットワーク解析手法の課題点を解消した新しい手法を開発しました。
- ・公共データを用いた検証により、多様な解析手法に対して有用であることが示されました。
- ・既存手法で見過ごされてきた重要因子を見いだすことで、病因解明や創薬標的・バイオマーカー探索の精度向上が期待されます。

岡山大学学術研究院医歯薬学域組織機能修復学分野の寶田剛志教授は、遺伝子など多数の変数から「一緒に働くまとまり（モジュール）」を見つける新しい共発現ネットワーク解析手法 SGCRNA を開発しました。これまで約 20 年にわたり WGCNA という手法が広く用いられてきましたが、近年は前提となる理論への疑問が指摘されていることに加え、数理的な観点から改善の余地がある点など、いくつかの課題がありました。そこで本手法では、従来の枠組みを見直して解析を改良し、より細かく、解釈しやすいモジュールを抽出できるようにしました。その成果が評価され、バイオインフォマティクス分野で評価の高い国際学術誌の一つである『*Briefings in Bioinformatics*』に掲載されました。WGCNA が薬剤標的の探索などにも用いられてきた一方で、見落とされうる重要な遺伝子や遺伝子群の働きを本手法によって明らかにできれば、病気の原因解明や精密医療の基盤となる解析の精度向上につながることを期待されます。今後は、解析の高速化も含めた大規模データへの適用拡大、実験による検証、創薬標的・バイオマーカー探索への展開を進めます。

## ■発表内容

## &lt;現状&gt;

病気のしくみを知るためには、身体の中で多くの遺伝子が「いつ・どこで・どれくらい」一緒に動くのかを読み解く必要があります。そのため遺伝子同士の動き方が似ているものを線で結んだネットワークを構築し、仲間（モジュール）を見つける解析（共発現ネットワーク解析）が広く使われてきました。ところが代表的な従来法（WGCNA）は、①前提となる理論に対して近年疑問が指摘されていること、②設定の調整に手間がかかること、③「一緒に増減するか（相関）」は評価できても「どの程度同じ比率で連動するか（回帰の傾き）」を見落としやすいことなどの課題がありました。その結果、重要な遺伝子の組み合わせが見つかりにくくなったり、データの種類によってはうまく整理できなかったりする場合があります。



## PRESS RELEASE

### <研究成果の内容>

本研究では、従来手法の課題を解消する新しい共発現ネットワーク解析手法「SGCRNA」を開発しました。SGCRNAは、従来のように特定の理論的な仮定に強く依存せずにネットワークを構築できる点が特長です。さらに、単に相関を見るだけでなく、回帰の傾きも加味して因子間のつながりを評価します。これにより、従来は同じ相関でも区別しにくかった関係性を整理し、解釈しやすいモジュールとして抽出できるようにしました。

またモジュールを抽出する際には、データ同士の「つながりの強さ」を手がかりに似たもの同士が自然にまとまるよう全体をグループ分けすることが出来るスペクトルクラスタリングという手法を用い、データに応じて適切なモジュール数を推定する仕組みも取り入れています。加えて、計算の要となる処理を効率化し約 50 倍の高速化を実現することで、大規模データにも適用しやすい実装としました。

検証では、公共データを用いて、疾患関連データ・空間トランスクリプトームデータ・腸内細菌叢データなど、性質の異なる複数のデータに適用しました。その結果、モジュールの再現性や解釈のしやすさの面で有用性が示され、既存手法では見落とされうる特徴的なまとまりや関連因子が見いだされる例も確認されました。SGCRNAは研究コミュニティで利用できる形で提供し、さまざまなデータ解析に活用できる基盤を整えました。

### <社会的な意義>

SGCRNAにより、これまでの解析では見過ごされてきた重要な遺伝子や遺伝子の組み合わせを見つけやすくなります。これは病気の原因解明を一步進めるだけでなく、薬の標的候補や診断の手がかり（バイオマーカー）をより確からしく絞り込むことにつながります。さらに公開データを「掘り起こす力」が高まることで、新しい実験を始める前の仮説づくりや研究の効率化にも役立ちます。今後は、より大規模なデータへの適用を広げるとともに、実験による検証を進め、医療や創薬につながる発見を加速させることを目指します。

### ■論文情報

論文名：SGCRNA: spectral clustering-guided co-expression network analysis without scale-free constraints for multi-omic data

掲載誌：Briefings in Bioinformatics

著者：Tatsunori Osone, Tomoka Takao, Shigeo Otake, Takeshi Takarada

D O I : <https://doi.org/10.1093/bib/bbag021>

### ■研究資金

本研究は、科研費（23K14384, 23K08677, 23K21368）、AMED（JP24bm1123059）、創発的研究支援事業（FOREST）（JPMJFR225H）の支援を受けて実施しました。



＜お問い合わせ＞

岡山大学学術研究院医歯薬学域（医学系）

教授 寶田剛志

（電話番号）086-235-7407



**岡山大学**  
OKAYAMA UNIVERSITY



岡山大学は持続可能な開発目標（SDGs）を支援しています。